



<110> FOSTER, Timothy

<120> POLYPEPTIDES AND POLYNUCLEOTIDES FROM COAGULASE-NEGATIVE STAPHYLOCOCCI

<130> P06335US04/BAS

<140> 10/689,082

<141> 2003-10-21

<150> 09/386,962

<151> 1999-08-31

<150> 60/098,443

<151> 1998-08-31

<150> 60/117,119

<151> 1999-01-25

<160> 40

<170> PatentIn version 3.1

<210> 1

<211> 5406

<212> DNA

<213> Staphylococcus epidermidis

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(5406)

<223>

<400> 1

tat tgg ata aat tat gct tat aaa gta ttt aca taa aaa tgt aaa tgc	48
Tyr Trp Ile Asn Tyr Ala Tyr Lys Val Phe Thr Lys Cys Lys Cys	
1 5 10 15	

aat tta caa gta aat att caa att att tcc ttg taa aat att tat ttt	96
Asn Leu Gln Val Asn Ile Gln Ile Ile Ser Leu Asn Ile Tyr Phe	
20 25 30	

aac tgg agg tat agt atg aaa aag aga aga caa gga cca att aac aag	144
Asn Trp Arg Tyr Ser Met Lys Lys Arg Arg Gln Gly Pro Ile Asn Lys	
35 40 45	

aga gtg gat ttt cta tcc aac aag gta aac aag tac tcg att agg aag	192
Arg Val Asp Phe Leu Ser Asn Lys Val Asn Lys Tyr Ser Ile Arg Lys	
50 55 60	

ttc aca gta ggt aca gct tca ata ctc gtg ggt gct acg tta atg ttt	240
Phe Thr Val Gly Thr Ala Ser Ile Leu Val Gly Ala Thr Leu Met Phe	
65 70 75	

ggt gcc gca gac aat gag gct aaa gcg gct gaa gac aat caa tta gaa Gly Ala Ala Asp Asn Glu Ala Lys Ala Ala Glu Asp Asn Gln Leu Glu 80 85 90	288
tca gct tca aaa gaa gaa cag aaa ggt agt cgt gat aat gaa aac tca Ser Ala Ser Lys Glu Glu Gln Lys Gly Ser Arg Asp Asn Glu Asn Ser 95 100 105 110	336
aaa ctt aat caa gtc gat tta gac aac gga tca cat agt tct gag aaa Lys Leu Asn Gln Val Asp Leu Asp Asn Gly Ser His Ser Ser Glu Lys 115 120 125	384
aca aca aat gta aac aat gca act gaa gta aaa aaa gtt gaa gca cca Thr Thr Asn Val Asn Asn Ala Thr Glu Val Lys Lys Val Glu Ala Pro 130 135 140	432
acg aca agt gac gta tct aag cct aaa gct aat gaa gca gta gtg acg Thr Thr Ser Asp Val Ser Lys Pro Lys Ala Asn Glu Ala Val Val Thr 145 150 155	480
aat gag tca act aaa cca aaa aca aca gaa gca cca act gtt aat gag Asn Glu Ser Thr Lys Pro Lys Thr Thr Glu Ala Pro Thr Val Asn Glu 160 165 170	528
gaa tca ata gct gaa aca ccc aaa acc tca act aca caa caa gat tcg Glu Ser Ile Ala Glu Thr Pro Lys Thr Ser Thr Thr Gln Gln Asp Ser 175 180 185 190	576
act gag aag aat aat cca tct tta aaa gat aat tta aat tca tcc tca Thr Glu Lys Asn Asn Pro Ser Leu Lys Asp Asn Leu Asn Ser Ser Ser 195 200 205	624
acg aca tct aaa gaa agt aaa aca gac gaa cat tct act aag caa gct Thr Thr Ser Lys Glu Ser Lys Thr Asp Glu His Ser Thr Lys Gln Ala 210 215 220	672
caa atg tct act aat aaa tca aat tta gac aca aat gac tct cca act Gln Met Ser Thr Asn Lys Ser Asn Leu Asp Thr Asn Asp Ser Pro Thr 225 230 235	720
caa agt gag aaa act tca tca caa gca aat aac gac agt aca gat aat Gln Ser Glu Lys Thr Ser Ser Gln Ala Asn Asn Asp Ser Thr Asp Asn 240 245 250	768
cag tca gca cct tct aaa caa tta gat tca aaa cca tca gaa caa aaa Gln Ser Ala Pro Ser Lys Gln Leu Asp Ser Lys Pro Ser Glu Gln Lys 255 260 265 270	816
gta tat aaa aca aaa ttt aat gat gaa cct act caa gat gtt gaa cac Val Tyr Lys Thr Lys Phe Asn Asp Glu Pro Thr Gln Asp Val Glu His 275 280 285	864
acg aca act aaa tta aaa aca cct tct gtt tca aca gat agt tca gtc Thr Thr Thr Lys Leu Lys Thr Pro Ser Val Ser Thr Asp Ser Ser Val 290 295 300	912
aat gat aag caa gat tac aca cga agt gct gta gct agt tta ggt gtt	960

Asn Asp Lys Gln Asp Tyr Thr Arg Ser Ala Val Ala Ser Leu Gly Val	
305 310 315	
gat tct aat gaa aca gaa gca att aca aat gca gtt aga gac aat tta	1008
Asp Ser Asn Glu Thr Glu Ala Ile Thr Asn Ala Val Arg Asp Asn Leu	
320 325 330	
gat tta aaa gct gca tct aga gaa caa atc aat gaa gca atc att gct	1056
Asp Leu Lys Ala Ala Ser Arg Glu Gln Ile Asn Glu Ala Ile Ile Ala	
335 340 345 350	
gaa gca cta aaa aaa gac ttt tct aac cct gat tat ggt gtc gat acg	1104
Glu Ala Leu Lys Lys Asp Phe Ser Asn Pro Asp Tyr Gly Val Asp Thr	
355 360 365	
cca tta gct cta aac aga tct caa tca aaa aat tca cca cat aag agt	1152
Pro Leu Ala Leu Asn Arg Ser Gln Ser Lys Asn Ser Pro His Lys Ser	
370 375 380	
gca agt cca cgc atg aat tta atg agt tta gct gct gag cct aat agt	1200
Ala Ser Pro Arg Met Asn Leu Met Ser Leu Ala Ala Glu Pro Asn Ser	
385 390 395	
ggt aaa aat gtg aat gat aaa gtt aaa atc aca aac cct acg ctt tca	1248
Gly Lys Asn Val Asn Asp Lys Val Lys Ile Thr Asn Pro Thr Leu Ser	
400 405 410	
ctt aat aag agt aat aat cac gct aat aac gta ata tgg cca aca agt	1296
Leu Asn Lys Ser Asn Asn His Ala Asn Asn Val Ile Trp Pro Thr Ser	
415 420 425 430	
aac gaa caa ttt aat tta aaa gca aat tat gaa tta gat gac agc ata	1344
Asn Glu Gln Phe Asn Leu Lys Ala Asn Tyr Glu Leu Asp Asp Ser Ile	
435 440 445	
aaa gag gga gat act ttt act att aag tat ggt cag tat att aga ccg	1392
Lys Glu Gly Asp Thr Phe Thr Ile Lys Tyr Gly Gln Tyr Ile Arg Pro	
450 455 460	
ggt ggt tta gaa ctt cct gca ata aaa act caa cta cgt agt aag gat	1440
Gly Gly Leu Glu Leu Pro Ala Ile Lys Thr Gln Leu Arg Ser Lys Asp	
465 470 475	
ggc tct att gta gct aat ggt gta tat gat aaa act aca aat acg acg	1488
Gly Ser Ile Val Ala Asn Gly Val Tyr Asp Lys Thr Thr Asn Thr Thr	
480 485 490	
act tat aca ttt act aac tat gtt gat caa tat caa aat att aca ggt	1536
Thr Tyr Thr Phe Thr Asn Tyr Val Asp Gln Tyr Gln Asn Ile Thr Gly	
495 500 505 510	
agt ttt gat tta att gcg acg cct aag agg gaa aca gca att aag gat	1584
Ser Phe Asp Leu Ile Ala Thr Pro Lys Arg Glu Thr Ala Ile Lys Asp	
515 520 525	
aat cag aat tat cct atg gaa gtg acg att gct aac gaa gta gtc aaa	1632
Asn Gln Asn Tyr Pro Met Glu Val Thr Ile Ala Asn Glu Val Val Lys	

530	535	540	
aaa gac ttc att gtg gat tat ggt aat aaa aag gac aat aca act aca Lys Asp Phe Ile Val Asp Tyr Gly Asn Lys Lys Asp Asn Thr Thr Thr 545 550 555			1680
gca gcg gta gca aat gtg gat aat gta aat aat aaa cat aac gaa gtt Ala Ala Val Ala Asn Val Asp Asn Val Asn Asn Lys His Asn Glu Val 560 565 570			1728
gtt tat cta aac caa aat aac caa aac cct aaa tat gct aaa tat ttc Val Tyr Leu Asn Gln Asn Asn Gln Asn Pro Lys Tyr Ala Lys Tyr Phe 575 580 585 590			1776
tca aca gta aaa aat ggt gaa ttt ata cca ggt gaa gtg aaa gtt tac Ser Thr Val Lys Asn Gly Glu Phe Ile Pro Gly Glu Val Lys Val Tyr 595 600 605			1824
gaa gtg acg gat acc aat gcg atg gta gat agc ttc aat cct gat tta Glu Val Thr Asp Thr Asn Ala Met Val Asp Ser Phe Asn Pro Asp Leu 610 615 620			1872
aat agt tct aat gta aaa gat gtg aca agt caa ttt gca cct aaa gta Asn Ser Ser Asn Val Lys Asp Val Thr Ser Gln Phe Ala Pro Lys Val 625 630 635			1920
agt gca gat ggt act aga gtt gat atc aat ttt gct aga agt atg gca Ser Ala Asp Gly Thr Arg Val Asp Ile Asn Phe Ala Arg Ser Met Ala 640 645 650			1968
aat ggt aaa aag tat att gta act caa gca gtg aga cca acg gga act Asn Gly Lys Lys Tyr Ile Val Thr Gln Ala Val Arg Pro Thr Gly Thr 655 660 665 670			2016
gga aat gtt tat acc gaa tat tgg tta aca aga gat ggt act acc aat Gly Asn Val Tyr Thr Glu Tyr Trp Leu Thr Arg Asp Gly Thr Thr Asn 675 680 685			2064
aca aat gat ttt tac cgt gga acg aag tct aca acg gtg act tat ctc Thr Asn Asp Phe Tyr Arg Gly Thr Lys Ser Thr Thr Val Thr Tyr Leu 690 695 700			2112
aat ggt tct tca aca gca cag ggg gat aat cct aca tat agt cta ggt Asn Gly Ser Ser Thr Ala Gln Gly Asp Asn Pro Thr Tyr Ser Leu Gly 705 710 715			2160
gac tat gta tgg tta gat aaa aat aaa aac ggt gtt caa gat gat gat Asp Tyr Val Trp Leu Asp Lys Asn Lys Asn Gly Val Gln Asp Asp Asp 720 725 730			2208
gag aaa ggt tta gca ggt gtt tat gtt act ctt aaa gac agt aac aat Glu Lys Gly Leu Ala Gly Val Tyr Val Thr Leu Lys Asp Ser Asn Asn 735 740 745 750			2256
aga gaa tta caa cgt gta act act gat caa tct gga cat tat caa ttt Arg Glu Leu Gln Arg Val Thr Thr Asp Gln Ser Gly His Tyr Gln Phe 755 760 765			2304

gat aat tta caa aat gga acg tac aca gtc gag ttt gcg att cct gat	2352
Asp Asn Leu Gln Asn Gly Thr Tyr Thr Val Glu Phe Ala Ile Pro Asp	
770 775 780	
aat tat acg cca tct ccc gca aat aat tct aca aat gat gca ata gat	2400
Asn Tyr Thr Pro Ser Pro Ala Asn Asn Ser Thr Asn Asp Ala Ile Asp	
785 790 795	
tca gat ggt gaa cgt gat ggt aca cgt aaa gta gtt gtt gcc aaa gga	2448
Ser Asp Gly Glu Arg Asp Gly Thr Arg Lys Val Val Val Ala Lys Gly	
800 805 810	
aca att aat aat gct gat aat atg act gta gat act ggc ttt tat tta	2496
Thr Ile Asn Asn Ala Asp Asn Met Thr Val Asp Thr Gly Phe Tyr Leu	
815 820 825 830	
act cct aaa tac aat gtc gga gat tat gta tgg gaa gat aca aat aaa	2544
Thr Pro Lys Tyr Asn Val Gly Asp Tyr Val Trp Glu Asp Thr Asn Lys	
835 840 845	
gat ggt atc caa gat gac aat gaa aaa gga att tct ggt gtt aaa gta	2592
Asp Gly Ile Gln Asp Asp Asn Glu Lys Gly Ile Ser Gly Val Lys Val	
850 855 860	
acg tta aaa aat aaa aat gga gat act att ggc aca acg aca aca gat	2640
Thr Leu Lys Asn Lys Asn Gly Asp Thr Ile Gly Thr Thr Thr Thr Asp	
865 870 875	
tca aat ggt aaa tat gaa ttc aca ggt tta gag aac ggg gat tac aca	2688
Ser Asn Gly Lys Tyr Glu Phe Thr Gly Leu Glu Asn Gly Asp Tyr Thr	
880 885 890	
ata gaa ttt gag acg ccg gaa ggc tac aca ccg act aaa caa aac tcg	2736
Ile Glu Phe Glu Thr Pro Glu Gly Tyr Thr Pro Thr Lys Gln Asn Ser	
895 900 905 910	
gga agt gac gaa ggt aaa gat tca aac ggt acg aaa aca aca gtc aca	2784
Gly Ser Asp Glu Gly Lys Asp Ser Asn Gly Thr Lys Thr Thr Val Thr	
915 920 925	
gtc aaa gat gca gat aat aaa aca ata gac tca ggt ttc tac aag cca	2832
Val Lys Asp Ala Asp Asn Lys Thr Ile Asp Ser Gly Phe Tyr Lys Pro	
930 935 940	
aca tat aac tta ggt gac tat gta tgg gaa gat aca aat aaa gat ggt	2880
Thr Tyr Asn Leu Gly Asp Tyr Val Trp Glu Asp Thr Asn Lys Asp Gly	
945 950 955	
att caa gac gac agt gaa aaa ggg att tct ggg gtt aaa gtg acg tta	2928
Ile Gln Asp Asp Ser Glu Lys Gly Ile Ser Gly Val Lys Val Thr Leu	
960 965 970	
aaa gat aaa aat gga aat gcc att ggg aca acg aca aca gac gca agt	2976
Lys Asp Lys Asn Gly Asn Ala Ile Gly Thr Thr Thr Thr Asp Ala Ser	
975 980 985 990	

ggt cat tat caa ttt aaa gga tta gaa aat gga agc tac aca gtt gag	3024
Gly His Tyr Gln Phe Lys Gly Leu Glu Asn Gly Ser Tyr Thr Val Glu	
995 1000 1005	
ttt gag aca cca tca ggt tat aca ccg aca aaa gcg aat tca ggt	3069
Phe Glu Thr Pro Ser Gly Tyr Thr Pro Thr Lys Ala Asn Ser Gly	
1010 1015 1020	
caa gat ata act gta gat tcc aac ggt ata aca aca aca ggt atc	3114
Gln Asp Ile Thr Val Asp Ser Asn Gly Ile Thr Thr Thr Gly Ile	
1025 1030 1035	
att aac gga gct gat aat ctc aca att gat agt ggt ttc tac aaa	3159
Ile Asn Gly Ala Asp Asn Leu Thr Ile Asp Ser Gly Phe Tyr Lys	
1040 1045 1050	
aca cca aaa tat agt gtc gga gat tat gta tgg gaa gat aca aat	3204
Thr Pro Lys Tyr Ser Val Gly Asp Tyr Val Trp Glu Asp Thr Asn	
1055 1060 1065	
aaa gat ggt atc caa gat gac aat gaa aag gga att tct ggt gtt	3249
Lys Asp Gly Ile Gln Asp Asp Asn Glu Lys Gly Ile Ser Gly Val	
1070 1075 1080	
aaa gta acg tta aag gat gaa aaa gga aat ata att agc act aca	3294
Lys Val Thr Leu Lys Asp Glu Lys Gly Asn Ile Ile Ser Thr Thr	
1085 1090 1095	
aca act gat gaa aat ggg aag tat caa ttt gat aat tta gat agt	3339
Thr Thr Asp Glu Asn Gly Lys Tyr Gln Phe Asp Asn Leu Asp Ser	
1100 1105 1110	
ggt aat tac att att cat ttt gag aaa ccg gaa ggc atg act caa	3384
Gly Asn Tyr Ile Ile His Phe Glu Lys Pro Glu Gly Met Thr Gln	
1115 1120 1125	
act aca gca aat tct gga aat gat gat gaa aaa gat gct gat ggg	3429
Thr Thr Ala Asn Ser Gly Asn Asp Asp Glu Lys Asp Ala Asp Gly	
1130 1135 1140	
gaa gat gtt cgt gtt acg att act gat cat gat gac ttt agt ata	3474
Glu Asp Val Arg Val Thr Ile Thr Asp His Asp Asp Phe Ser Ile	
1145 1150 1155	
gat aat ggt tat ttt gac gat gat tca gac agt gac tca gac gca	3519
Asp Asn Gly Tyr Phe Asp Asp Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ala	
1160 1165 1170	
gat agt gat tca gac tca gac agt gac tcg gac gca gac agc gat	3564
Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ala Asp Ser Asp	
1175 1180 1185	
tct gac gca gac agt gac tca gac gca gat agt gat tct gac tca	3609
Ser Asp Ala Asp Ser Asp Ser Asp Ala Asp Ser Asp Ser Asp Ser	
1190 1195 1200	
gac agc gac tca gac gca gat agt gat tcc gat tca gac agc gac	3654

Asp Ser Asp Ser	Asp Ala Asp Ser	Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp	
1205		1210	1215
tcg gat tca gat	agt gat tcg gat	gca gac agc gac tcg gat tct	3699
Ser Asp Ser Asp	Ser Asp Ser Asp	Ala Asp Ser Asp Ser Asp Ser	
1220		1225 1230	
gac agt gat tct	gac gca gac agt	gac tca gat tca gac agt gac	3744
Asp Ser Asp Ser	Asp Ala Asp Ser	Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp	
1235		1240 1245	
tcg gat tca gac	agc gat tcg gat	tcc gat tca gac agt gac tcg	3789
Ser Asp Ser Asp	Ser Asp Ser Asp	Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser	
1250		1255 1260	
gat tca gac agt	gac tca gac tcc	gac agt gat tcc gat tca gat	3834
Asp Ser Asp Ser	Asp Ser Asp Ser	Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp	
1265		1270 1275	
agc gac tcc gac	gca gat agt gat	tcg gac gca gac agt gac tca	3879
Ser Asp Ser Asp	Ala Asp Ser Asp	Ser Asp Ala Asp Ser Asp Ser	
1280		1285 1290	
gat tca gac agt	gat tcg gac gca gac	agt gac tcg gac tca gat	3924
Asp Ser Asp Ser	Asp Ser Asp Ala Asp	Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser	
1295		1300 1305	
agt gat tca gat	gca gac agc gat	tca gac tca gat agc gac tcg	3969
Ser Asp Ser Asp	Ala Asp Ser Asp	Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser	
1310		1315 1320	
gat tca gac agc	gac tcc gac gca gac	agc gac tcg gat tca gat	4014
Asp Ser Asp Ser	Asp Ser Asp Ala Asp	Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser	
1325		1330 1335	
agt gat tct gac	tca gac agt gac	tca gat tcc gat agt gat tcg	4059
Ser Asp Ser Asp	Ser Asp Ser Asp	Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser	
1340		1345 1350	
gat tca gat agt	gat tcc gac gca gac	agc gat tcg gat tcc gat	4104
Asp Ser Asp Ser	Asp Ser Asp Ala Asp	Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser	
1355		1360 1365	
agc gat tca gac	tca gac agc gat	tca gat tca gac agc gac tca	4149
Ser Asp Ser Asp	Ser Asp Ser Asp	Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser	
1370		1375 1380	
gat tca gat agt	gat tcc gac gca gac	agc gat gca gac agc gac	4194
Asp Ser Asp Ser	Asp Ser Asp Ala Asp	Ser Asp Ala Asp Ser Asp Ser	
1385		1390 1395	
tca gac gca gac	agt gat tca gat	gca gac agc gat tct gac tca	4239
Ser Asp Ala Asp	Ser Asp Ser Asp	Ala Asp Ser Asp Ser Asp Ser	
1400		1405 1410	
gat agt gac tca	gac gca gat agt	gat tcc gat tcc gat agc gat	4284
Asp Ser Asp Ser	Asp Ala Asp Ser	Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp	

1415	1420	1425	
tca gat tct gat agt gac tca gac tca gat tcc Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser	1430	1435 1440	4329
gat agc gac tcg gat tca gat agt gat tcc gac gca gac agt gac Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp	1445	1450 1455	4374
tca gac tca gat agt gac tcg gat tcc gat agt gat tcc gac gca Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ala	1460	1465 1470	4419
gac agc gat tct gac tca gat agt gac tca gac gca gat agt gat Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp	1475	1480 1485	4464
tcc gat tcc gat agc gat tcg gat gca gac agc gac tcg gat tca Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ala Asp Ser Asp Ser	1490	1495 1500	4509
gat agt gat tcc gac gca gac agt gac tca gac tca gat agt gac Asp Ser Asp Ser Asp Ala Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser	1505	1510 1515	4554
tcg gat tcc gat agt gat tcc gac gca gac agc gat tcg gat tcc Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ala Asp Ser Asp Ser Asp	1520	1525 1530	4599
gat agc gat tca gac tcc gac agc gat tca gat tca gac agc gac Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp	1535	1540 1545	4644
tca gat tcc gat agt gat tcc gat tca gac agt gac tcg gat tcc Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser	1550	1555 1560	4689
gat agt gac tca gac tca gac agt gac tca gat tca gat agc gac Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp	1565	1570 1575	4734
tca gat tca gac agt gat tcg gac tca gat agt gac tcc gat tca Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser	1580	1585 1590	4779
gac agt gat tcg gat tcc gat agc gat tcg gat tcc gat agt gac Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp	1595	1600 1605	4824
tcg gat tca gac agt gat tcg gac tca gac agc gac tcc gat tca Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser	1610	1615 1620	4869
gat agt gat tcc gac tca gac agc gat tcg gat tcc gat agt gac Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp	1625	1630 1635	4914

tcg gat tca gac agt gat tcg gac tca gac agc gac tcc gat tca	4959
Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser	
1640 1645 1650	
gat agt gat tcc gac gca gac agc gac tcc gat tca gat agt gat	5004
Asp Ser Asp Ser Asp Ala Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp	
1655 1660 1665	
tcg gac gca gac agc gat tcc gat agt gac tcg gat tca gac agt	5049
Ser Asp Ala Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser	
1670 1675 1680	
gat tcg gac tca gac agc gat tcc gat tca gac agt gac tcg gac	5094
Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp	
1685 1690 1695	
tca gat agc gac tcg gat tca gac agt gac tcg gac tca gat agt	5139
Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser	
1700 1705 1710	
gac tcc gat tca gac agc gac tcg gat tct gat aaa aat gca aaa	5184
Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Lys Asn Ala Lys	
1715 1720 1725	
gat aaa tta cct gat aca gga gca aat gaa gat cat gat tct aaa	5229
Asp Lys Leu Pro Asp Thr Gly Ala Asn Glu Asp His Asp Ser Lys	
1730 1735 1740	
ggc aca tta ctt gga act tta ttt gca ggt tta gga gca tta tta	5274
Gly Thr Leu Leu Gly Thr Leu Phe Ala Gly Leu Gly Ala Leu Leu	
1745 1750 1755	
tta gga aga cgt cgt aaa aaa gat aat aaa gaa aaa tag cac tat	5319
Leu Gly Arg Arg Arg Lys Lys Asp Asn Lys Glu Lys His Tyr	
1760 1765 1770	
tga ttc att cat aag tta ttt caa gcc agg tct ata tgg cct ggt	5364
Phe Ile His Lys Leu Phe Gln Ala Arg Ser Ile Trp Pro Gly	
1775 1780	
ttg aaa tca tat taa att gaa agg aga aaa aga tga gta tgg	5406
Leu Lys Ser Tyr Ile Glu Arg Arg Lys Arg Val Trp	
1785 1790 1795	

<210> 2
 <211> 11
 <212> PRT
 <213> Staphylococcus epidermidis

<400> 2

Tyr Trp Ile Asn Tyr Ala Tyr Lys Val Phe Thr
1 5 10

<210> 3
<211> 15
<212> PRT
<213> Staphylococcus epidermidis

<400> 3

Lys Cys Lys Cys Asn Leu Gln Val Asn Ile Gln Ile Ile Ser Leu
1 5 10 15

<210> 4
<211> 1742
<212> PRT
<213> Staphylococcus epidermidis

<400> 4

Asn Ile Tyr Phe Asn Trp Arg Tyr Ser Met Lys Lys Arg Arg Gln Gly
1 5 10 15

Pro Ile Asn Lys Arg Val Asp Phe Leu Ser Asn Lys Val Asn Lys Tyr
20 25 30

Ser Ile Arg Lys Phe Thr Val Gly Thr Ala Ser Ile Leu Val Gly Ala
35 40 45

Thr Leu Met Phe Gly Ala Ala Asp Asn Glu Ala Lys Ala Ala Glu Asp
50 55 60

Asn Gln Leu Glu Ser Ala Ser Lys Glu Glu Gln Lys Gly Ser Arg Asp
65 70 75 80

Asn Glu Asn Ser Lys Leu Asn Gln Val Asp Leu Asp Asn Gly Ser His
85 90 95

Ser Ser Glu Lys Thr Thr Asn Val Asn Asn Ala Thr Glu Val Lys Lys
100 105 110

Val Glu Ala Pro Thr Thr Ser Asp Val Ser Lys Pro Lys Ala Asn Glu
115 120 125

Ala Val Val Thr Asn Glu Ser Thr Lys Pro Lys Thr Thr Glu Ala Pro
130 135 140

Thr Val Asn Glu Glu Ser Ile Ala Glu Thr Pro Lys Thr Ser Thr Thr
145 150 155 160

Gln Gln Asp Ser Thr Glu Lys Asn Asn Pro Ser Leu Lys Asp Asn Leu
165 170 175

Asn Ser Ser Ser Thr Thr Ser Lys Glu Ser Lys Thr Asp Glu His Ser
180 185 190

Thr Lys Gln Ala Gln Met Ser Thr Asn Lys Ser Asn Leu Asp Thr Asn
195 200 205

Asp Ser Pro Thr Gln Ser Glu Lys Thr Ser Ser Gln Ala Asn Asn Asp
 210 215 220
 Ser Thr Asp Asn Gln Ser Ala Pro Ser Lys Gln Leu Asp Ser Lys Pro
 225 230 235 240
 Ser Glu Gln Lys Val Tyr Lys Thr Lys Phe Asn Asp Glu Pro Thr Gln
 245 250 255
 Asp Val Glu His Thr Thr Thr Lys Leu Lys Thr Pro Ser Val Ser Thr
 260 265 270
 Asp Ser Ser Val Asn Asp Lys Gln Asp Tyr Thr Arg Ser Ala Val Ala
 275 280 285
 Ser Leu Gly Val Asp Ser Asn Glu Thr Glu Ala Ile Thr Asn Ala Val
 290 295 300
 Arg Asp Asn Leu Asp Leu Lys Ala Ala Ser Arg Glu Gln Ile Asn Glu
 305 310 315 320
 Ala Ile Ile Ala Glu Ala Leu Lys Lys Asp Phe Ser Asn Pro Asp Tyr
 325 330 335
 Gly Val Asp Thr Pro Leu Ala Leu Asn Arg Ser Gln Ser Lys Asn Ser
 340 345 350
 Pro His Lys Ser Ala Ser Pro Arg Met Asn Leu Met Ser Leu Ala Ala
 355 360 365
 Glu Pro Asn Ser Gly Lys Asn Val Asn Asp Lys Val Lys Ile Thr Asn
 370 375 380
 Pro Thr Leu Ser Leu Asn Lys Ser Asn Asn His Ala Asn Asn Val Ile
 385 390 395 400
 Trp Pro Thr Ser Asn Glu Gln Phe Asn Leu Lys Ala Asn Tyr Glu Leu
 405 410 415
 Asp Asp Ser Ile Lys Glu Gly Asp Thr Phe Thr Ile Lys Tyr Gly Gln
 420 425 430
 Tyr Ile Arg Pro Gly Gly Leu Glu Leu Pro Ala Ile Lys Thr Gln Leu
 435 440 445
 Arg Ser Lys Asp Gly Ser Ile Val Ala Asn Gly Val Tyr Asp Lys Thr
 450 455 460
 Thr Asn Thr Thr Thr Tyr Thr Phe Thr Asn Tyr Val Asp Gln Tyr Gln
 465 470 475 480
 Asn Ile Thr Gly Ser Phe Asp Leu Ile Ala Thr Pro Lys Arg Glu Thr
 485 490 495
 Ala Ile Lys Asp Asn Gln Asn Tyr Pro Met Glu Val Thr Ile Ala Asn
 500 505 510

Glu Val Val Lys Lys Asp Phe Ile Val Asp Tyr Gly Asn Lys Lys Asp
 515 520 525
 Asn Thr Thr Thr Ala Ala Val Ala Asn Val Asp Asn Val Asn Asn Lys
 530 535 540
 His Asn Glu Val Val Tyr Leu Asn Gln Asn Asn Gln Asn Pro Lys Tyr
 545 550 555 560
 Ala Lys Tyr Phe Ser Thr Val Lys Asn Gly Glu Phe Ile Pro Gly Glu
 565 570 575
 Val Lys Val Tyr Glu Val Thr Asp Thr Asn Ala Met Val Asp Ser Phe
 580 585 590
 Asn Pro Asp Leu Asn Ser Ser Asn Val Lys Asp Val Thr Ser Gln Phe
 595 600 605
 Ala Pro Lys Val Ser Ala Asp Gly Thr Arg Val Asp Ile Asn Phe Ala
 610 615 620
 Arg Ser Met Ala Asn Gly Lys Lys Tyr Ile Val Thr Gln Ala Val Arg
 625 630 635 640
 Pro Thr Gly Thr Gly Asn Val Tyr Thr Glu Tyr Trp Leu Thr Arg Asp
 645 650 655
 Gly Thr Thr Asn Thr Asn Asp Phe Tyr Arg Gly Thr Lys Ser Thr Thr
 660 665 670
 Val Thr Tyr Leu Asn Gly Ser Ser Thr Ala Gln Gly Asp Asn Pro Thr
 675 680 685
 Tyr Ser Leu Gly Asp Tyr Val Trp Leu Asp Lys Asn Lys Asn Gly Val
 690 695 700
 Gln Asp Asp Asp Glu Lys Gly Leu Ala Gly Val Tyr Val Thr Leu Lys
 705 710 715 720
 Asp Ser Asn Asn Arg Glu Leu Gln Arg Val Thr Thr Asp Gln Ser Gly
 725 730 735
 His Tyr Gln Phe Asp Asn Leu Gln Asn Gly Thr Tyr Thr Val Glu Phe
 740 745 750
 Ala Ile Pro Asp Asn Tyr Thr Pro Ser Pro Ala Asn Asn Ser Thr Asn
 755 760 765
 Asp Ala Ile Asp Ser Asp Gly Glu Arg Asp Gly Thr Arg Lys Val Val
 770 775 780
 Val Ala Lys Gly Thr Ile Asn Asn Ala Asp Asn Met Thr Val Asp Thr
 785 790 795 800
 Gly Phe Tyr Leu Thr Pro Lys Tyr Asn Val Gly Asp Tyr Val Trp Glu
 805 810 815

Asp Thr Asn Lys Asp Gly Ile Gln Asp Asp Asn Glu Lys Gly Ile Ser
 820 825 830

Gly Val Lys Val Thr Leu Lys Asn Lys Asn Gly Asp Thr Ile Gly Thr
 835 840 845

Thr Thr Thr Asp Ser Asn Gly Lys Tyr Glu Phe Thr Gly Leu Glu Asn
 850 855 860

Gly Asp Tyr Thr Ile Glu Phe Glu Thr Pro Glu Gly Tyr Thr Pro Thr
 865 870 875 880

Lys Gln Asn Ser Gly Ser Asp Glu Gly Lys Asp Ser Asn Gly Thr Lys
 885 890 895

Thr Thr Val Thr Val Lys Asp Ala Asp Asn Lys Thr Ile Asp Ser Gly
 900 905 910

Phe Tyr Lys Pro Thr Tyr Asn Leu Gly Asp Tyr Val Trp Glu Asp Thr
 915 920 925

Asn Lys Asp Gly Ile Gln Asp Asp Ser Glu Lys Gly Ile Ser Gly Val
 930 935 940

Lys Val Thr Leu Lys Asp Lys Asn Gly Asn Ala Ile Gly Thr Thr Thr
 945 950 955 960

Thr Asp Ala Ser Gly His Tyr Gln Phe Lys Gly Leu Glu Asn Gly Ser
 965 970 975

Tyr Thr Val Glu Phe Glu Thr Pro Ser Gly Tyr Thr Pro Thr Lys Ala
 980 985 990

Asn Ser Gly Gln Asp Ile Thr Val Asp Ser Asn Gly Ile Thr Thr Thr
 995 1000 1005

Gly Ile Ile Asn Gly Ala Asp Asn Leu Thr Ile Asp Ser Gly Phe
 1010 1015 1020

Tyr Lys Thr Pro Lys Tyr Ser Val Gly Asp Tyr Val Trp Glu Asp
 1025 1030 1035

Thr Asn Lys Asp Gly Ile Gln Asp Asp Asn Glu Lys Gly Ile Ser
 1040 1045 1050

Gly Val Lys Val Thr Leu Lys Asp Glu Lys Gly Asn Ile Ile Ser
 1055 1060 1065

Thr Thr Thr Thr Asp Glu Asn Gly Lys Tyr Gln Phe Asp Asn Leu
 1070 1075 1080

Asp Ser Gly Asn Tyr Ile Ile His Phe Glu Lys Pro Glu Gly Met
 1085 1090 1095

Thr Gln Thr Thr Ala Asn Ser Gly Asn Asp Asp Glu Lys Asp Ala
 1100 1105 1110

Asp Gly 1115	Glu Asp Val Arg Val 1120	Thr Ile Thr Asp His 1125	Asp Asp Phe
Ser Ile 1130	Asp Asn Gly Tyr Phe 1135	Asp Asp Asp Ser Asp 1140	Ser Asp Ser
Asp Ala 1145	Asp Ser Asp Ser Asp 1150	Ser Asp Ser Asp Ser 1155	Asp Ala Asp
Ser Asp 1160	Ser Asp Ala Asp Ser 1165	Asp Ser Asp Ala Asp 1170	Ser Asp Ser
Asp Ser 1175	Asp Ser Asp Ser Asp 1180	Ala Asp Ser Asp Ser 1185	Asp Ser Asp
Ser Asp 1190	Ser Asp Ser Asp Ser 1195	Asp Ser Asp Ala Asp 1200	Ser Asp Ser
Asp Ser 1205	Asp Ser Asp Ser Asp 1210	Ala Asp Ser Asp Ser 1215	Asp Ser Asp
Ser Asp 1220	Ser Asp Ser Asp Ser 1225	Asp Ser Asp Ser Asp 1230	Ser Asp Ser
Asp Ser 1235	Asp Ser Asp Ser Asp 1240	Ser Asp Ser Asp Ser 1245	Asp Ser Asp
Ser Asp 1250	Ser Asp Ser Asp Ala 1255	Asp Ser Asp Ser Asp 1260	Ala Asp Ser
Asp Ser 1265	Asp Ser Asp Ser Asp 1270	Ser Asp Ala Asp Ser 1275	Asp Ser Asp
Ser Asp 1280	Ser Asp Ser Asp Ala 1285	Asp Ser Asp Ser Asp 1290	Ser Asp Ser
Asp Ser 1295	Asp Ser Asp Ser Asp 1300	Ser Asp Ala Asp Ser 1305	Asp Ser Asp
Ser Asp 1310	Ser Asp Ser Asp Ser 1315	Asp Ser Asp Ser Asp 1320	Ser Asp Ser
Asp Ser 1325	Asp Ser Asp Ser Asp 1330	Ser Asp Ala Asp Ser 1335	Asp Ser Asp
Ser Asp 1340	Ser Asp Ser Asp Ser 1345	Asp Ser Asp Ser Asp 1350	Ser Asp Ser
Asp Ser 1355	Asp Ser Asp Ser Asp 1360	Ser Asp Ala Asp Ser 1365	Asp Ala Asp
Ser Asp 1370	Ser Asp Ala Asp Ser 1375	Asp Ser Asp Ala Asp 1380	Ser Asp Ser
Asp Ser 1385	Asp Ser Asp Ser Asp 1390	Ala Asp Ser Asp Ser 1395	Asp Ser Asp

Ser Asp 1400	Ser Asp Ser Asp 1405	Ser Asp Ser Asp Ser Asp 1410
Asp Ser 1415	Asp Ser Asp Ser Asp 1420	Ser Asp Ser Asp Ala Asp 1425
Ser Asp 1430	Ser Asp Ser Asp Ser Asp 1435	Ser Asp Ser Asp Ser Asp 1440
Asp Ala 1445	Asp Ser Asp Ser Asp Ser 1450	Ser Asp Ala Asp Ser Asp 1455
Ser Asp 1460	Ser Asp Ser Asp Ser Asp 1465	Ser Asp Ser Asp Ala Asp 1470
Asp Ser 1475	Asp Ser Asp Ser Asp Ser 1480	Ser Asp Ser Asp Ser Asp 1485
Ser Asp 1490	Ser Asp Ser Asp Ser Asp 1495	Ser Asp Ser Asp Ala Asp 1500
Asp Ser 1505	Asp Ser Asp Ser Asp Ser 1510	Ser Asp Ser Asp Ser Asp 1515
Ser Asp 1520	Ser Asp Ser Asp Ser Asp 1525	Ser Asp Ser Asp Ser Asp 1530
Asp Ser 1535	Asp Ser Asp Ser Asp Ser 1540	Ser Asp Ser Asp Ser Asp 1545
Ser Asp 1550	Ser Asp Ser Asp Ser Asp 1555	Ser Asp Ser Asp Ser Asp 1560
Asp Ser 1565	Asp Ser Asp Ser Asp Ser 1570	Ser Asp Ser Asp Ser Asp 1575
Ser Asp 1580	Ser Asp Ser Asp Ser Asp 1585	Ser Asp Ser Asp Ser Asp 1590
Asp Ser 1595	Asp Ser Asp Ser Asp Ser 1600	Ser Asp Ser Asp Ser Asp 1605
Ser Asp 1610	Ser Asp Ser Asp Ser Asp 1615	Ser Asp Ser Asp Ser Asp 1620
Asp Ser 1625	Asp Ser Asp Ser Asp Ser 1630	Ser Asp Ser Asp Ser Asp 1635
Ser Asp 1640	Ser Asp Ala Asp Ser Asp 1645	Ser Asp Ser Asp Ser Asp 1650
Asp Ser 1655	Asp Ser Asp Ser Asp Ser 1660	Ser Asp Ser Asp Ser Asp 1665
Ser Asp 1670	Ser Asp Ser Asp Ser Asp 1675	Ser Asp Ser Asp Ser Asp 1680

Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Lys Asn
1685 1690 1695

Ala Lys Asp Lys Leu Pro Asp Thr Gly Ala Asn Glu Asp His Asp
1700 1705 1710

Ser Lys Gly Thr Leu Leu Gly Thr Leu Phe Ala Gly Leu Gly Ala
1715 1720 1725

Leu Leu Leu Gly Arg Arg Arg Lys Lys Asp Asn Lys Glu Lys
1730 1735 1740

<210> 5

<211> 18

<212> PRT

<213> Staphylococcus epidermidis

<400> 5

Phe Ile His Lys Leu Phe Gln Ala Arg Ser Ile Trp Pro Gly Leu Lys
1 5 10 15

Ser Tyr

<210> 6

<211> 6

<212> PRT

<213> Staphylococcus epidermidis

<400> 6

Ile Glu Arg Arg Lys Arg
1 5

<210> 7

<211> 2976

<212> DNA

<213> Staphylococcus epidermidis

<220>

<221> CDS

<222> (3)..(2975)

<223>

<400> 7

at att gca aaa aag act tat ata cta tat tgt att tta ctc tag aaa 47
Ile Ala Lys Lys Thr Tyr Ile Leu Tyr Cys Ile Leu Leu Lys
1 5 10

cga ttt tta ctt gaa aat tac att gaa ata gtc aaa gat aag gag ttt 95
Arg Phe Leu Leu Glu Asn Tyr Ile Glu Ile Val Lys Asp Lys Glu Phe
15 20 25 30

tta tga tta aaa aaa aat aat tta cta act aaa aag aaa cct ata gca 143

Leu	Leu	Lys	Lys	Asn	Asn	Leu	Leu	Thr	Lys	Lys	Pro	Ile	Ala		
				35					40				45		
aat	aaa	tcc	aat	aaa	tat	gca	att	aga	aaa	ttc	aca	gta	ggt	aca	gcg
Asn	Lys	Ser	Asn	Lys	Tyr	Ala	Ile	Arg	Lys	Phe	Thr	Val	Gly	Thr	Ala
				50					55					60	
tct	att	gta	ata	ggt	gca	gca	tta	ttg	ttt	ggt	tta	ggt	cat	aat	gag
Ser	Ile	Val	Ile	Gly	Ala	Ala	Leu	Leu	Phe	Gly	Leu	Gly	His	Asn	Glu
			65					70					75		
gcc	aaa	gct	gag	gag	aat	aca	gta	caa	gac	gtt	aaa	gat	tcg	aat	atg
Ala	Lys	Ala	Glu	Glu	Asn	Thr	Val	Gln	Asp	Val	Lys	Asp	Ser	Asn	Met
		80					85					90			
gat	gat	gaa	tta	tca	gat	agc	aat	gat	cag	tcc	agt	aat	gaa	gaa	aag
Asp	Asp	Glu	Leu	Ser	Asp	Ser	Asn	Asp	Gln	Ser	Ser	Asn	Glu	Glu	Lys
		95				100					105				
aat	gat	gta	atc	aat	aat	agt	cag	tca	ata	aac	acc	gat	gat	gat	aac
Asn	Asp	Val	Ile	Asn	Asn	Ser	Gln	Ser	Ile	Asn	Thr	Asp	Asp	Asp	Asn
110					115					120					125
caa	ata	aaa	aaa	gaa	gaa	acg	aat	agc	aac	gat	gcc	ata	gaa	aat	cgc
Gln	Ile	Lys	Lys	Glu	Glu	Thr	Asn	Ser	Asn	Asp	Ala	Ile	Glu	Asn	Arg
				130					135					140	
tct	aaa	gat	ata	aca	cag	tca	aca	aca	aat	gta	gat	gaa	aac	gaa	gca
Ser	Lys	Asp	Ile	Thr	Gln	Ser	Thr	Thr	Asn	Val	Asp	Glu	Asn	Glu	Ala
			145					150					155		
aca	ttt	tta	caa	aag	acc	cct	caa	gat	aat	act	cag	ctt	aaa	gaa	gaa
Thr	Phe	Leu	Gln	Lys	Thr	Pro	Gln	Asp	Asn	Thr	Gln	Leu	Lys	Glu	Glu
		160					165					170			
gtg	gta	aaa	gaa	ccc	tca	tca	gtc	gaa	tcc	tca	aat	tca	tca	atg	gat
Val	Val	Lys	Glu	Pro	Ser	Ser	Val	Glu	Ser	Ser	Asn	Ser	Ser	Met	Asp
		175				180					185				
act	gcc	caa	caa	cca	tct	cat	aca	aca	ata	aat	agt	gaa	gca	tct	att
Thr	Ala	Gln	Gln	Pro	Ser	His	Thr	Thr	Ile	Asn	Ser	Glu	Ala	Ser	Ile
190					195					200					205
caa	aca	agt	gat	aat	gaa	gaa	aat	tcc	cgc	gta	tca	gat	ttt	gct	aac
Gln	Thr	Ser	Asp	Asn	Glu	Glu	Asn	Ser	Arg	Val	Ser	Asp	Phe	Ala	Asn
				210					215					220	
tct	aaa	ata	ata	gag	agt	aac	act	gaa	tcc	aat	aaa	gaa	gag	aat	act
Ser	Lys	Ile	Ile	Glu	Ser	Asn	Thr	Glu	Ser	Asn	Lys	Glu	Glu	Asn	Thr
			225					230					235		
ata	gag	caa	cct	aac	aaa	gta	aga	gaa	gat	tca	ata	aca	agt	caa	ccg
Ile	Glu	Gln	Pro	Asn	Lys	Val	Arg	Glu	Asp	Ser	Ile	Thr	Ser	Gln	Pro
			240				245					250			

255	260	265	
tta aat tta cca ata aat gaa tat gaa aat aag gtt aga ccg tta tct Leu Asn Leu Pro Ile Asn Glu Tyr Glu Asn Lys Val Arg Pro Leu Ser 270 275 280 285			863
aca aca tct gcc caa cca tcg agt aag cgt gta acc gta aat caa tta Thr Thr Ser Ala Gln Pro Ser Ser Lys Arg Val Thr Val Asn Gln Leu 290 295 300			911
gcg gca gaa caa ggt tcg aat gtt aat cat tta att aaa gtt act gat Ala Ala Glu Gln Gly Ser Asn Val Asn His Leu Ile Lys Val Thr Asp 305 310 315			959
caa agt att act gaa gga tat gat gat agt gat ggt att att aaa gca Gln Ser Ile Thr Glu Gly Tyr Asp Asp Ser Asp Gly Ile Ile Lys Ala 320 325 330			1007
cat gat gct gaa aac tta atc tat gat gta act ttt gaa gta gat gat His Asp Ala Glu Asn Leu Ile Tyr Asp Val Thr Phe Glu Val Asp Asp 335 340 345			1055
aag gtg aaa tct ggt gat acg atg aca gtg aat ata gat aag aat aca Lys Val Lys Ser Gly Asp Thr Met Thr Val Asn Ile Asp Lys Asn Thr 350 355 360 365			1103
gtt cca tca gat tta acc gat agt ttt gca ata cca aaa ata aaa gat Val Pro Ser Asp Leu Thr Asp Ser Phe Ala Ile Pro Lys Ile Lys Asp 370 375 380			1151
aat tct gga gaa atc atc gct aca ggt act tat gac aac aca aat aaa Asn Ser Gly Glu Ile Ile Ala Thr Gly Thr Tyr Asp Asn Thr Asn Lys 385 390 395			1199
caa att acc tac act ttt aca gat tat gta gat aaa tat gaa aat att Gln Ile Thr Tyr Thr Phe Thr Asp Tyr Val Asp Lys Tyr Glu Asn Ile 400 405 410			1247
aaa gcg cac ctt aaa tta aca tca tac att gat aaa tca aag gtt cca Lys Ala His Leu Lys Leu Thr Ser Tyr Ile Asp Lys Ser Lys Val Pro 415 420 425			1295
aat aat aac act aag tta gat gta gaa tat aag acg gcc ctt tca tca Asn Asn Asn Thr Lys Leu Asp Val Glu Tyr Lys Thr Ala Leu Ser Ser 430 435 440 445			1343
gta aat aaa aca att acg gtt gaa tat caa aaa cct aac gaa aat cgg Val Asn Lys Thr Ile Thr Val Glu Tyr Gln Lys Pro Asn Glu Asn Arg 450 455 460			1391
act gct aac ctt caa agt atg ttc aca aac ata gat acg aaa aac cat Thr Ala Asn Leu Gln Ser Met Phe Thr Asn Ile Asp Thr Lys Asn His 465 470 475			1439
aca gtt gag caa acg att tat att aac cct ctt cgt tat tca gcc aaa Thr Val Glu Gln Thr Ile Tyr Ile Asn Pro Leu Arg Tyr Ser Ala Lys 480 485 490			1487

gaa aca aat gta aat att tca ggg aat ggc gat gaa ggt tca aca att Glu Thr Asn Val Asn Ile Ser Gly Asn Gly Asp Glu Gly Ser Thr Ile 495 500 505	1535
atc gac gat agt aca atc att aaa gtt tat aag gtt gga gat aat caa Ile Asp Asp Ser Thr Ile Ile Lys Val Tyr Lys Val Gly Asp Asn Gln 510 515 520 525	1583
aat tta cca gat agt aac aga att tat gat tac agt gaa tat gaa gat Asn Leu Pro Asp Ser Asn Arg Ile Tyr Asp Tyr Ser Glu Tyr Glu Asp 530 535 540	1631
gtc aca aat gat gat tat gcc caa tta gga aat aat aat gac gtg aat Val Thr Asn Asp Asp Tyr Ala Gln Leu Gly Asn Asn Asn Asp Val Asn 545 550 555	1679
att aat ttt ggt aat ata gat tca cca tat att att aaa gtt att agt Ile Asn Phe Gly Asn Ile Asp Ser Pro Tyr Ile Ile Lys Val Ile Ser 560 565 570	1727
aaa tat gac cct aat aag gac gat tac acg acg ata cag caa act gtg Lys Tyr Asp Pro Asn Lys Asp Asp Tyr Thr Thr Ile Gln Gln Thr Val 575 580 585	1775
aca atg caa acg act ata aat gag tat act ggt gag ttt aga aca gca Thr Met Gln Thr Thr Ile Asn Glu Tyr Thr Gly Glu Phe Arg Thr Ala 590 595 600 605	1823
tcc tat gat aat aca att gct ttc tct aca agt tca ggt caa gga caa Ser Tyr Asp Asn Thr Ile Ala Phe Ser Thr Ser Ser Gly Gln Gly Gln 610 615 620	1871
ggg gac ttg cct cct gaa aaa act tat aaa atc gga gat tac gta tgg Gly Asp Leu Pro Glu Lys Thr Tyr Lys Ile Gly Asp Tyr Val Trp 625 630 635	1919
gaa gat gta gat aaa gat ggt att caa aat aca aat gat aat gaa aaa Glu Asp Val Asp Lys Asp Gly Ile Gln Asn Thr Asn Asp Asn Glu Lys 640 645 650	1967
ccg ctt agt aat gta ttg gta act ttg acg tat cct gat gga act tca Pro Leu Ser Asn Val Leu Val Thr Leu Thr Tyr Pro Asp Gly Thr Ser 655 660 665	2015
aaa tca gtc aga aca gat gaa gag ggg aaa tat caa ttt gat ggg tta Lys Ser Val Arg Thr Asp Glu Glu Gly Lys Tyr Gln Phe Asp Gly Leu 670 675 680 685	2063
aaa aac gga ttg act tat aaa att aca ttc gaa aca ccg gaa gga tat Lys Asn Gly Leu Thr Tyr Lys Ile Thr Phe Glu Thr Pro Glu Gly Tyr 690 695 700	2111
acg ccg acg ctt aaa cat tca gga aca aat cct gca cta gac tca gaa Thr Pro Thr Leu Lys His Ser Gly Thr Asn Pro Ala Leu Asp Ser Glu 705 710 715	2159

ggc aat tct gta tgg gta act att aac gga caa gac gat atg act att Gly Asn Ser Val Trp Val Thr Ile Asn Gly Gln Asp Asp Met Thr Ile 720 725 730	2207
gat agc gga ttt tat caa aca cct aaa tat agc tta ggg aac tat gta Asp Ser Gly Phe Tyr Gln Thr Pro Lys Tyr Ser Leu Gly Asn Tyr Val 735 740 745	2255
tgg tat gac act aat aaa gat ggt att caa ggt gat gat gaa aaa gga Trp Tyr Asp Thr Asn Lys Asp Gly Ile Gln Gly Asp Asp Glu Lys Gly 750 755 760 765	2303
atc tct gga gta aaa gtg acg tta aaa gat gaa aac gga aat atc att Ile Ser Gly Val Lys Val Thr Leu Lys Asp Glu Asn Gly Asn Ile Ile 770 775 780	2351
agt aca aca aca act gat gaa aat gga aag tat caa ttt gat aat tta Ser Thr Thr Thr Thr Asp Glu Asn Gly Lys Tyr Gln Phe Asp Asn Leu 785 790 795	2399
aat agt ggt aat tat att gtt cat ttt gat aaa cct tca ggt atg act Asn Ser Gly Asn Tyr Ile Val His Phe Asp Lys Pro Ser Gly Met Thr 800 805 810	2447
caa aca aca aca gat tct ggt gat gat gac gaa cag gat gct gat ggg Gln Thr Thr Thr Asp Ser Gly Asp Asp Asp Glu Gln Asp Ala Asp Gly 815 820 825	2495
gaa gaa gtc cat gta aca att act gat cat gat gac ttt agt ata gat Glu Glu Val His Val Thr Ile Thr Asp His Asp Asp Phe Ser Ile Asp 830 835 840 845	2543
aac gga tac tat gat gac gac tca gat tca gat agt gat tca gac tca Asn Gly Tyr Tyr Asp Asp Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser 850 855 860	2591
gat agc gac gac tca gac tcc gat agc gat tcc gac tca gac agc gac Asp Ser Asp Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp 865 870 875	2639
tca gat tcc gat agt gat tca gat tca gac agt gac tca gac tca gat Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp 880 885 890	2687
agt gat tca gat tca gac agc gat tcc gac tca gac agt gac tca gga Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Gly 895 900 905	2735
tta gac aat agc tca gat aag aat aca aaa gat aaa tta ccg gat aca Leu Asp Asn Ser Ser Asp Lys Asn Thr Lys Asp Lys Leu Pro Asp Thr 910 915 920 925	2783
gga gct aat gaa gat cat gat tct aaa ggc aca tta ctt gga gct tta Gly Ala Asn Glu Asp His Asp Ser Lys Gly Thr Leu Leu Gly Ala Leu 930 935 940	2831
ttt gca ggt tta gga gcg tta tta tta ggg aag cgt cgc aaa aat aga	2879

Phe Ala Gly Leu Gly Ala Leu Leu Leu Gly Lys Arg Arg Lys Asn Arg
 945 950 955

aaa aat aaa aat taa att att caa atg aaa tta gtg aaa gaa gca gat 2927
 Lys Asn Lys Asn Ile Ile Gln Met Lys Leu Val Lys Glu Ala Asp
 960 965 970

acg aca ttt gaa tag aaa gta tat tta gtc caa caa ata taa ggt gtt g 2976
 Thr Thr Phe Glu Lys Val Tyr Leu Val Gln Gln Ile Gly Val
 975 980 985

<210> 8
 <211> 13
 <212> PRT
 <213> Staphylococcus epidermidis

<400> 8

Ile Ala Lys Lys Thr Tyr Ile Leu Tyr Cys Ile Leu Leu
 1 5 10

<210> 9
 <211> 18
 <212> PRT
 <213> Staphylococcus epidermidis

<400> 9

Lys Arg Phe Leu Leu Glu Asn Tyr Ile Glu Ile Val Lys Asp Lys Glu
 1 5 10 15

Phe Leu

<210> 10
 <211> 930
 <212> PRT
 <213> Staphylococcus epidermidis

<400> 10

Leu Lys Lys Asn Asn Leu Leu Thr Lys Lys Lys Pro Ile Ala Asn Lys
 1 5 10 15

Ser Asn Lys Tyr Ala Ile Arg Lys Phe Thr Val Gly Thr Ala Ser Ile
 20 25 30

Val Ile Gly Ala Ala Leu Leu Phe Gly Leu Gly His Asn Glu Ala Lys
 35 40 45

Ala Glu Glu Asn Thr Val Gln Asp Val Lys Asp Ser Asn Met Asp Asp
 50 55 60

Glu Leu Ser Asp Ser Asn Asp Gln Ser Ser Asn Glu Glu Lys Asn Asp
65 70 75 80

Val Ile Asn Asn Ser Gln Ser Ile Asn Thr Asp Asp Asp Asn Gln Ile
85 90 95

Lys Lys Glu Glu Thr Asn Ser Asn Asp Ala Ile Glu Asn Arg Ser Lys
100 105 110

Asp Ile Thr Gln Ser Thr Thr Asn Val Asp Glu Asn Glu Ala Thr Phe
115 120 125

Leu Gln Lys Thr Pro Gln Asp Asn Thr Gln Leu Lys Glu Glu Val Val
130 135 140

Lys Glu Pro Ser Ser Val Glu Ser Ser Asn Ser Ser Met Asp Thr Ala
145 150 155 160

Gln Gln Pro Ser His Thr Thr Ile Asn Ser Glu Ala Ser Ile Gln Thr
165 170 175

Ser Asp Asn Glu Glu Asn Ser Arg Val Ser Asp Phe Ala Asn Ser Lys
180 185 190

Ile Ile Glu Ser Asn Thr Glu Ser Asn Lys Glu Glu Asn Thr Ile Glu
195 200 205

Gln Pro Asn Lys Val Arg Glu Asp Ser Ile Thr Ser Gln Pro Ser Ser
210 215 220

Tyr Lys Asn Ile Asp Glu Lys Ile Ser Asn Gln Asp Glu Leu Leu Asn
225 230 235 240

Leu Pro Ile Asn Glu Tyr Glu Asn Lys Val Arg Pro Leu Ser Thr Thr
245 250 255

Ser Ala Gln Pro Ser Ser Lys Arg Val Thr Val Asn Gln Leu Ala Ala
260 265 270

Glu Gln Gly Ser Asn Val Asn His Leu Ile Lys Val Thr Asp Gln Ser
275 280 285

Ile Thr Glu Gly Tyr Asp Asp Ser Asp Gly Ile Ile Lys Ala His Asp
290 295 300

Ala Glu Asn Leu Ile Tyr Asp Val Thr Phe Glu Val Asp Asp Lys Val
305 310 315 320

Lys Ser Gly Asp Thr Met Thr Val Asn Ile Asp Lys Asn Thr Val Pro
325 330 335

Ser Asp Leu Thr Asp Ser Phe Ala Ile Pro Lys Ile Lys Asp Asn Ser
340 345 350

Gly Glu Ile Ile Ala Thr Gly Thr Tyr Asp Asn Thr Asn Lys Gln Ile
355 360 365

Thr Tyr Thr Phe Thr Asp Tyr Val Asp Lys Tyr Glu Asn Ile Lys Ala
370 375 380

His Leu Lys Leu Thr Ser Tyr Ile Asp Lys Ser Lys Val Pro Asn Asn
385 390 395 400

Asn Thr Lys Leu Asp Val Glu Tyr Lys Thr Ala Leu Ser Ser Val Asn
405 410 415

Lys Thr Ile Thr Val Glu Tyr Gln Lys Pro Asn Glu Asn Arg Thr Ala
420 425 430

Asn Leu Gln Ser Met Phe Thr Asn Ile Asp Thr Lys Asn His Thr Val
435 440 445

Glu Gln Thr Ile Tyr Ile Asn Pro Leu Arg Tyr Ser Ala Lys Glu Thr
450 455 460

Asn Val Asn Ile Ser Gly Asn Gly Asp Glu Gly Ser Thr Ile Ile Asp
465 470 475 480

Asp Ser Thr Ile Ile Lys Val Tyr Lys Val Gly Asp Asn Gln Asn Leu
485 490 495

Pro Asp Ser Asn Arg Ile Tyr Asp Tyr Ser Glu Tyr Glu Asp Val Thr
500 505 510

Asn Asp Asp Tyr Ala Gln Leu Gly Asn Asn Asn Asp Val Asn Ile Asn
515 520 525

Phe Gly Asn Ile Asp Ser Pro Tyr Ile Ile Lys Val Ile Ser Lys Tyr
530 535 540

Asp Pro Asn Lys Asp Asp Tyr Thr Thr Ile Gln Gln Thr Val Thr Met
545 550 555 560

Gln Thr Thr Ile Asn Glu Tyr Thr Gly Glu Phe Arg Thr Ala Ser Tyr
565 570 575

Asp Asn Thr Ile Ala Phe Ser Thr Ser Ser Gly Gln Gly Gln Gly Asp
580 585 590

Leu Pro Pro Glu Lys Thr Tyr Lys Ile Gly Asp Tyr Val Trp Glu Asp
595 600 605

Val Asp Lys Asp Gly Ile Gln Asn Thr Asn Asp Asn Glu Lys Pro Leu
610 615 620

Ser Asn Val Leu Val Thr Leu Thr Tyr Pro Asp Gly Thr Ser Lys Ser
625 630 635 640

Val Arg Thr Asp Glu Glu Gly Lys Tyr Gln Phe Asp Gly Leu Lys Asn
645 650 655

Gly Leu Thr Tyr Lys Ile Thr Phe Glu Thr Pro Glu Gly Tyr Thr Pro
660 665 670

Thr Leu Lys His Ser Gly Thr Asn Pro Ala Leu Asp Ser Glu Gly Asn
675 680 685

Ser Val Trp Val Thr Ile Asn Gly Gln Asp Asp Met Thr Ile Asp Ser
690 695 700

Gly Phe Tyr Gln Thr Pro Lys Tyr Ser Leu Gly Asn Tyr Val Trp Tyr
705 710 715 720

Asp Thr Asn Lys Asp Gly Ile Gln Gly Asp Asp Glu Lys Gly Ile Ser
725 730 735

Gly Val Lys Val Thr Leu Lys Asp Glu Asn Gly Asn Ile Ile Ser Thr

740

745

750

Thr Thr Thr Asp Glu Asn Gly Lys Tyr Gln Phe Asp Asn Leu Asn Ser
755 760 765

Gly Asn Tyr Ile Val His Phe Asp Lys Pro Ser Gly Met Thr Gln Thr
770 775 780

Thr Thr Asp Ser Gly Asp Asp Asp Glu Gln Asp Ala Asp Gly Glu Glu
785 790 795 800

Val His Val Thr Ile Thr Asp His Asp Asp Phe Ser Ile Asp Asn Gly
805 810 815

Tyr Tyr Asp Asp Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser
820 825 830

Asp Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp
835 840 845

Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp
850 855 860

Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Gly Leu Asp
865 870 875 880

Asn Ser Ser Asp Lys Asn Thr Lys Asp Lys Leu Pro Asp Thr Gly Ala
885 890 895

Asn Glu Asp His Asp Ser Lys Gly Thr Leu Leu Gly Ala Leu Phe Ala
900 905 910

Gly Leu Gly Ala Leu Leu Leu Gly Lys Arg Arg Lys Asn Arg Lys Asn
915 920 925

Lys Asn
930

<210> 11

<211> 15

<212> PRT

<213> Staphylococcus epidermidis

<400> 11

Ile Ile Gln Met Lys Leu Val Lys Glu Ala Asp Thr Thr Phe Glu
 1 5 10 15

<210> 12
 <211> 8
 <212> PRT
 <213> Staphylococcus epidermidis
 <400> 12

Lys Val Tyr Leu Val Gln Gln Ile
 1 5

<210> 13
 <211> 1464
 <212> DNA
 <213> Staphylococcus epidermidis

<220>
 <221> CDS
 <222> (1)..(1464)
 <223>

<400> 13
 atg aaa aag ttt aac att aaa cat tca ttt atg ctt acg ggc ttt gct 48
 Met Lys Lys Phe Asn Ile Lys His Ser Phe Met Leu Thr Gly Phe Ala
 1 5 10 15
 ttc atg gta act aca tca tta ttc agt cac caa gca cat gct gaa ggt 96
 Phe Met Val Thr Thr Ser Leu Phe Ser His Gln Ala His Ala Glu Gly
 20 25 30
 aat cat cct att gac att aat ttt tct aaa gat caa att gat aga aat 144
 Asn His Pro Ile Asp Ile Asn Phe Ser Lys Asp Gln Ile Asp Arg Asn
 35 40 45
 aca gct aag agc aat att atc aat cga gtg aat gac act agt cgc aca 192
 Thr Ala Lys Ser Asn Ile Ile Asn Arg Val Asn Asp Thr Ser Arg Thr
 50 55 60
 gga att agt atg aat tcg gat aat gat tta gat aca gat atc gtt tca 240
 Gly Ile Ser Met Asn Ser Asp Asn Asp Leu Asp Thr Asp Ile Val Ser
 65 70 75 80
 aat agt gac tca gaa aat gac aca tat tta gat agt gat tca gat tca 288
 Asn Ser Asp Ser Glu Asn Asp Thr Tyr Leu Asp Ser Asp Ser Asp Ser
 85 90 95
 gac agt gac tca gat tca gat agt gac tca gat tca gat agt gac tca 336
 Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser
 100 105 110
 gat tca gat agt gac tca gat tca gac agt gat tca gac tca gat agt 384
 Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser

115	120	125	
gac tca gat tca gac agt gat tca gac tca gat agt gat tca gat tca Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser 130 135 140			432
gac agt gat tca gat tca gac agt gac tca gac tca gac agt gat tca Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser 145 150 155 160			480
gat tca gat agt gat tca gat tca gat agt gat tca gat tca gat agt Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser 165 170 175			528
gat tca gat tca gac agt gac tca gac tca gac agt gat tca gat tca Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser 180 185 190			576
gat agt gat tca gac tca gat agt gac tca gat tca gat agt gat tca Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser 195 200 205			624
gac tct ggt aca agt tca ggt aag ggt tca cat acc gga aaa aaa cct Asp Ser Gly Thr Ser Ser Gly Lys Gly Ser His Thr Gly Lys Lys Pro 210 215 220			672
ggt aac cct aaa gga aat aca aat aga cct tct caa aga cat acg aat Gly Asn Pro Lys Gly Asn Thr Asn Arg Pro Ser Gln Arg His Thr Asn 225 230 235 240			720
caa ccc caa agg cct aaa tac aat caa aca aat caa aac aat ata aac Gln Pro Gln Arg Pro Lys Tyr Asn Gln Thr Asn Gln Asn Asn Ile Asn 245 250 255			768
aat ata aac cat aat att aat cat aca cgt act agt gga gat ggt gcg Asn Ile Asn His Asn Ile Asn His Thr Arg Thr Ser Gly Asp Gly Ala 260 265 270			816
cct ttt aaa cgt caa caa aat att att aat tct aat tca ggt cat aga Pro Phe Lys Arg Gln Gln Asn Ile Ile Asn Ser Asn Ser Gly His Arg 275 280 285			864
aat caa aat aat ata aat caa ttt ata tgg aac aaa aat ggc ttt ttt Asn Gln Asn Asn Ile Asn Gln Phe Ile Trp Asn Lys Asn Gly Phe Phe 290 295 300			912
aaa tct caa aat aat acc gaa cat aga atg aat agt agc gat aat acc Lys Ser Gln Asn Asn Thr Glu His Arg Met Asn Ser Ser Asp Asn Thr 305 310 315 320			960
aat tca tta att agc aga ttc aga caa tta gcc acg ggt gct tat aag Asn Ser Leu Ile Ser Arg Phe Arg Gln Leu Ala Thr Gly Ala Tyr Lys 325 330 335			1008
tac aat ccg ttt ttg att aat caa gta aaa aat ttg aat caa tta gat Tyr Asn Pro Phe Leu Ile Asn Gln Val Lys Asn Leu Asn Gln Leu Asp 340 345 350			1056

gga aag gtg aca gat agt gac att tat agc ttg ttt aga aag caa tca 1104
Gly Lys Val Thr Asp Ser Asp Ile Tyr Ser Leu Phe Arg Lys Gln Ser
355 360 365

ttc aga ttt caa tat ttt aat cca ctt aat tct agt aaa tac tat gaa 1200
Phe Arg Phe Gln Tyr Phe Asn Pro Leu Asn Ser Ser Lys Tyr Tyr Glu
385 390 395 400

atg cca gaa ctt aaa aaa cct acg gat aaa gaa gat aaa aat cat agc 1296
Met Pro Glu Leu Lys Lys Pro Thr Asp Lys Glu Asp Lys Asn His Ser
420 425 430

cac tcc aaa gat tat gat aag aaa aag aaa ata cat cga agt ctt tta 1392
 His Ser Lys Asp Tyr Asp Lys Lys Lys Lys Ile His Arg Ser Leu Leu
 450 455 460

tat atc ttt aga aga aaa aag taa 1464
Tyr Ile Phe Arg Arg Lys Lys
485

<400> 14

Asn His Pro Ile Asp Ile Asn Phe Ser Lys Asp Gln Ile Asp Arg Asn
35 40 45

Thr Ala Lys Ser Asn Ile Ile Asn Arg Val Asn Asp Thr Ser Arg Thr
50 55 60

Gly Ile Ser Met Asn Ser Asp Asn Asp Leu Asp Thr Asp Ile Val Ser
65 70 75 80

Asn Ser Asp Ser Glu Asn Asp Thr Tyr Leu Asp Ser Asp Ser Asp Ser
85 90 95

Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser
100 105 110

Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser
115 120 125

Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser
130 135 140

Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser
145 150 155 160

Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser
165 170 175

Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser
180 185 190

Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser
195 200 205

Asp Ser Gly Thr Ser Ser Gly Lys Gly Ser His Thr Gly Lys Lys Pro
210 215 220

Gly Asn Pro Lys Gly Asn Thr Asn Arg Pro Ser Gln Arg His Thr Asn
225 230 235 240

Gln Pro Gln Arg Pro Lys Tyr Asn Gln Thr Asn Gln Asn Asn Ile Asn
245 250 255

Asn Ile Asn His Asn Ile Asn His Thr Arg Thr Ser Gly Asp Gly Ala
260 265 270

Pro Phe Lys Arg Gln Gln Asn Ile Ile Asn Ser Asn Ser Gly His Arg

275

280

285

Asn Gln Asn Asn Ile Asn Gln Phe Ile Trp Asn Lys Asn Gly Phe Phe
 290 295 300

Lys Ser Gln Asn Asn Thr Glu His Arg Met Asn Ser Ser Asp Asn Thr
 305 310 315 320

Asn Ser Leu Ile Ser Arg Phe Arg Gln Leu Ala Thr Gly Ala Tyr Lys
 325 330 335

Tyr Asn Pro Phe Leu Ile Asn Gln Val Lys Asn Leu Asn Gln Leu Asp
 340 345 350

Gly Lys Val Thr Asp Ser Asp Ile Tyr Ser Leu Phe Arg Lys Gln Ser
 355 360 365

Phe Arg Gly Asn Glu Tyr Leu Asn Ser Leu Gln Lys Gly Thr Ser Tyr
 370 375 380

Phe Arg Phe Gln Tyr Phe Asn Pro Leu Asn Ser Ser Lys Tyr Tyr Glu
 385 390 395 400

Asn Leu Asp Asp Gln Val Leu Ala Leu Ile Thr Gly Glu Ile Gly Ser
 405 410 415

Met Pro Glu Leu Lys Lys Pro Thr Asp Lys Glu Asp Lys Asn His Ser
 420 425 430

Ala Phe Lys Asn His Ser Ala Asp Glu Ile Thr Thr Asn Asn Asp Gly
 435 440 445

His Ser Lys Asp Tyr Asp Lys Lys Lys Lys Ile His Arg Ser Leu Leu
 450 455 460

Ser Leu Ser Ile Ala Ile Ile Gly Ile Phe Leu Gly Val Thr Gly Leu
 465 470 475 480

Tyr Ile Phe Arg Arg Lys Lys
 485

<210> 15

<211> 18

<212> DNA
<213> Staphylococcus epidermidis

<220>
<221> misc_feature
<222> (12)..(12)
<223> n=(a or c or t or g)

<220>
<221> misc_feature
<222> (6)..(6)
<223> n=(a or c or t or g)

<400> 15
gaytcngayt cngayagy

18

<210> 16
<211> 9
<212> PRT
<213> Staphylococcus epidermidis

<400> 16

Thr Tyr Thr Phe Thr Asp Tyr Val Asp
1 5

<210> 17
<211> 5
<212> PRT
<213> Staphylococcus epidermidis

<220>
<221> MISC_FEATURE
<222> (3)..(3)
<223> Xaa can be any amino acid

<400> 17

Leu Pro Xaa Thr Gly
1 5

<210> 18
<211> 60
<212> PRT
<213> Staphylococcus epidermidis

<400> 18

Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Lys Asn
1 5 10 15

Ala Lys Asp Lys Leu Pro Asp Thr Gly Ala Asn Glu Asp His Asp Ser
20 25 30

Lys Gly Thr Leu Leu Gly Thr Leu Phe Ala Gly Leu Gly Ala Leu Leu
35 40 45

Leu Gly Arg Arg Arg Lys Lys Asp Asn Lys Glu Lys
50 55 60

<210> 19
<211> 60
<212> PRT
<213> Staphylococcus epidermidis

<400> 19

Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Gly Leu Asp Asn Ser Ser Asp Lys Asn
1 5 10 15

Thr Lys Asp Lys Leu Pro Asp Thr Gly Ala Asn Glu Asp His Asp Ser
20 25 30

Lys Gly Thr Leu Leu Gly Ala Leu Phe Ala Gly Leu Gly Ala Leu Leu
35 40 45

Leu Gly Lys Arg Arg Lys Asn Arg Lys Asn Lys Asn
50 55 60

<210> 20
<211> 60
<212> PRT
<213> Staphylococcus epidermidis

<400> 20

Asp Lys Asn His Ser Ala Phe Lys Asn His Ser Ala Asp Glu Ile Thr
1 5 10 15

Thr Asn Asn Asp Gly His Ser Lys Asp Tyr Asp Lys Lys Lys Lys Ile
20 25 30

His Arg Ser Leu Leu Ser Leu Ser Ile Ala Ile Ile Gly Ile Phe Leu
35 40 45

Gly Val Thr Gly Leu Tyr Ile Phe Arg Arg Lys Lys
50 55 60

<210> 21
<211> 18
<212> DNA
<213> Staphylococcus epidermidis

<400> 21
gatgatgaat tatcagac 18

<210> 22
<211> 19
<212> DNA
<213> Staphylococcus epidermidis

<400> 22
caggaggcaa gtcaccttg 19

<210> 23
<211> 27
<212> DNA
<213> Staphylococcus epidermidis

<400> 23
gccggatccc caattccaga ggattca 27

<210> 24
<211> 27
<212> DNA
<213> Staphylococcus epidermidis

<400> 24
gccaagctta ttgtagaac ctgactc 27

<210> 25
<211> 17
<212> DNA
<213> Staphylococcus epidermidis

<400> 25
gattcagata gccattc 17

<210> 26
<211> 17
<212> DNA
<213> Staphylococcus epidermidis

<400> 26
ctgagtcact gtctgag 17

<210> 27
<211> 28

<212> DNA
 <213> Staphylococcus epidermidis

 <400> 27
 cccggatccg ctgaagacaa tcaattag 28

 <210> 28
 <211> 27
 <212> DNA
 <213> Staphylococcus epidermidis

 <400> 28
 cccaagctta attatcccc tgtgctg 27

 <210> 29
 <211> 31
 <212> DNA
 <213> Staphylococcus epidermidis

 <400> 29
 cccggatccg aggagaatac agtacaagac g 31

 <210> 30
 <211> 33
 <212> DNA
 <213> Staphylococcus epidermidis

 <400> 30
 cccggtacct agtttttcag gaggcaagtc acc 33

 <210> 31
 <211> 30
 <212> DNA
 <213> Staphylococcus epidermidis

 <400> 31
 cccggatccg aaggtaatca tcctattgac 30

 <210> 32
 <211> 37
 <212> DNA
 <213> Staphylococcus epidermidis

 <400> 32
 cccaagctta cttttttctt ctaaagatat atagtcc 37

 <210> 33
 <211> 30
 <212> DNA
 <213> Staphylococcus epidermidis

 <400> 33
 cccgaattca attatcccc tgtgctgttg 30

 <210> 34
 <211> 33

<212> DNA
<213> Staphylococcus epidermidis

<400> 34
cccgaattct agtttttcag gaggcaagtc acc 33

<210> 35
<211> 28
<212> DNA
<213> Staphylococcus epidermidis

<400> 35
ggcggatccg aaggtaatca tcctattg 28

<210> 36
<211> 28
<212> DNA
<213> Staphylococcus epidermidis

<400> 36
ggcaagcttc taaatatgtg tcattttc 28

<210> 37
<211> 4
<212> PRT
<213> Staphylococcus epidermidis

<400> 37

Gly Gly Ala Gly
1

<210> 38
<211> 13
<212> PRT
<213> Staphylococcus epidermidis

<400> 38

Asp Tyr Ser Glu Tyr Glu Asp Val Thr Asn Asp Asp Tyr
1 5 10

<210> 39
<211> 5
<212> PRT
<213> Staphylococcus aureus

<400> 39

Leu Pro Asp Thr Gly
1 5

<210> 40
<211> 10
<212> PRT
<213> Staphylococcus epidermidis

<400> 40

Thr	Tyr	Thr	Phe	Thr	Asp	Asn	Tyr	Val	Asp
1				5					10